

METHOD FOR OPTIMIZING GENETIC ALGORITHM AND SYSTEM FOR ANALYZING GENETIC ALGORITHM

Patent Number: JP9325949
Publication date: 1997-12-16
Inventor(s): NAITO TAKESHI
Applicant(s):: NISSAN MOTOR CO LTD
Requested Patent: ☐ JP9325949
Application JP111601418 0 11160604
Priority Number(s):
IPC Classification: G06F15/18 ; F02D41/34 ; G01M15/00 ; G06F17/00 ; G06F17/50
EC Classification:
Equivalents:

Abstract

PROBLEM TO BE SOLVED: To search an optimum solution in a short time by optimizing parameters such as the copy rate, cross rate and mutation rate of genetic algorithm.

SOLUTION: The genetic group of an initial generation is generated (step S210), the degree of adaptivity is respectively evaluated for each gene belonging to this initial generation (step S130), the hamming distance of respective genes of the genes belonging to this generation and having the highest degree of adaptivity is calculated (step S140) and concerning the genetic group of this generation, the distribution of frequency is found on the plane with two axes of the hamming distance and the degree of adaptivity (step S150). Corresponding to this frequency distribution, the parameter of the genetic algorithm is optimized (step S160) and by using the genetic algorithm specified by this parameter, the genetic group of the next generation is generated (step S170).

Data supplied from the esp@cenet database - I2

THIS PAGE BLANK (USPTO)

(19) 日本国特許庁 (J P)

(12) 公開特許公報 (A)

(11) 特許出願公開番号

特開平9-325949

(43) 公開日 平成9年(1997)12月16日

(51) Int.Cl. ⁶	識別記号	庁内整理番号	F I	技術表示箇所
G 0 6 F 15/18	5 5 0		G 0 6 F 15/18	5 5 0 C
F 0 2 D 41/34		9523-3G	F 0 2 D 41/34	W
G 0 1 M 15/00			G 0 1 M 15/00	Z
G 0 6 F 17/00			G 0 6 F 15/20	D
17/50			15/60	6 0 4 A
審査請求 未請求 請求項の数13 O L (全 19 頁)				

(21) 出願番号 特願平8-141890

(22) 出願日 平成8年(1996)6月4日

(71) 出願人 000003997

日産自動車株式会社

神奈川県横浜市神奈川区宝町2番地

(72) 発明者 内藤 健

神奈川県横浜市神奈川区宝町2番地 日産

自動車株式会社内

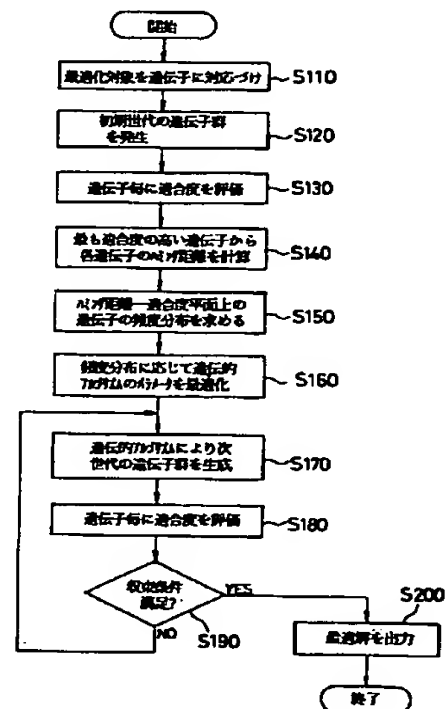
(74) 代理人 弁理士 三好 秀和 (外8名)

(54) 【発明の名称】 遺伝的アルゴリズムの最適化方法及び遺伝的アルゴリズムの解析システム

(57) 【要約】

【課題】 遺伝的アルゴリズムにおける複製率、交叉率、突然変異率等のパラメータを最適化し、最適解を短時間で探索する。

【解決手段】 初期世代の遺伝子集団を発生し（ステップS120）、この初期世代に属する遺伝子毎にそれぞれ適合度を評価し（ステップS130）、この世代に属する最も適合度の高い遺伝子に対する各遺伝子のハミング距離を計算し（ステップS140）、この世代の遺伝子集団についてハミング距離と適合度との2軸で張られた平面上の頻度分布を求め（ステップS150）、この頻度分布に応じて、遺伝的アルゴリズムのパラメータを最適化し（ステップS160）、このパラメータで規定される遺伝的アルゴリズムを使用して、次世代の遺伝子集団を生成する（ステップS170）。



【特許請求の範囲】

【請求項 1】 対象に対応付けられた遺伝子进行操作して、この対象の最適解または近似解を検索する遺伝的アルゴリズムのパラメータを最適化する遺伝的アルゴリズムの最適化方法であって、

初期世代の遺伝子集団を発生する第 1 の過程と、
この初期世代または第 2 世代以降の任意の世代に属する遺伝子毎にそれぞれ適合度を評価する第 2 の過程と、
前記世代に属する最も適合度の高い遺伝子に対する各遺伝子のハミング距離を計算する第 3 の過程と、
前記世代の遺伝子集団について前記ハミング距離と前記適合度との 2 軸で張られた平面上の頻度分布を求める第 4 の過程と、
前記頻度分布に応じて、遺伝的アルゴリズムのパラメータを変更する第 5 の過程と、
を備えたことを特徴とする遺伝的アルゴリズムの最適化方法。

【請求項 2】 対象に対応付けられた遺伝子进行操作して、この対象の最適解または近似解を検索する遺伝的アルゴリズムのパラメータを最適化する遺伝的アルゴリズムの最適化方法であって、
この初期世代または第 2 世代以降の任意の世代に属する遺伝子毎にそれぞれ適合度を評価する第 2 の過程と、
前記世代に属する最も適合度の高い遺伝子に対する各遺伝子のハミング距離を計算する第 3 の過程と、
前記世代の遺伝子集団について前記ハミング距離と前記適合度との 2 軸で張られた平面上の頻度分布を求める第 4 の過程と、
前記頻度分布が遺伝的アルゴリズムでは最適解が得られない分布を示す場合に、最適化対象と遺伝子との対応づけを変化させて第 1 または第 2 の過程に戻る第 5 の過程と、
前記頻度分布に応じて、遺伝的アルゴリズムのパラメータを変更する第 6 の過程と、
を備えたことを特徴とする遺伝的アルゴリズムの最適化方法。

【請求項 3】 対象に対応付けられた遺伝子进行操作して、この対象の最適解または近似解を検索する遺伝的アルゴリズムのパラメータを最適化する遺伝的アルゴリズムの最適化方法であって、
初期世代の遺伝子集団を発生する第 1 の過程と、
この初期世代または第 2 世代以降の任意の世代に属する遺伝子毎にそれぞれ適合度を評価する第 2 の過程と、
前記世代に属する最も適合度の高い遺伝子に対する各遺伝子のハミング距離を計算する第 3 の過程と、
前記世代に属する遺伝子間の適合度差の最小値より大きい適合度階差により前記遺伝子集団を区分するか、あるいは前記世代に属する遺伝子間のハミング距離差の最小値より大きいハミング距離階差により前記遺伝子集団を区分し、この区分毎に前記世代の遺伝子集団について頻

度分布を求める第 4 の過程と、

前記頻度分布に応じて、遺伝的アルゴリズムのパラメータを変更する第 5 の過程と、
を備えたことを特徴とする遺伝的アルゴリズムの最適化方法。

【請求項 4】 対象に対応付けられた遺伝子进行操作して、この対象の最適解または近似解を検索する遺伝的アルゴリズムのパラメータを最適化する遺伝的アルゴリズムの最適化方法であって、
初期世代の遺伝子集団を発生する第 1 の過程と、
この初期世代または第 2 世代以降の任意の世代に属する遺伝子毎にそれぞれ適合度を評価する第 2 の過程と、
前記世代に属する最も適合度の高い遺伝子であるエリートに対する各遺伝子のハミング距離を計算する第 3 の過程と、
前記エリート及び前記ハミング距離が最大となる遺伝子のいずれか一方、または双方から、少なくとも 1 つの変異体の遺伝子を作る第 4 の過程と、
これら変異体の遺伝子について、それぞれ適合度及び前記エリートに対する各遺伝子のハミング距離を計算する第 5 の過程と、
これら変異体の遺伝子及び前記世代の遺伝子について前記ハミング距離と前記適合度との 2 軸で張られた平面上の頻度分布を求める第 6 の過程と、
前記頻度分布に応じて、遺伝的アルゴリズムのパラメータを変更する第 7 の過程と、
を備えたことを特徴とする遺伝的アルゴリズムの最適化方法。

【請求項 5】 対象に対応付けられた遺伝子进行操作して、この対象の最適解または近似解を検索する遺伝的アルゴリズムのパラメータを最適化する遺伝的アルゴリズムの最適化方法であって、
初期世代の遺伝子集団を発生する第 1 の過程と、
この初期世代または第 2 世代以降の任意の世代に属する遺伝子毎にそれぞれ適合度を評価する第 2 の過程と、
前記世代に属する最も適合度の高い遺伝子に対する各遺伝子のハミング距離を計算する第 3 の過程と、
前記世代の遺伝子集団について前記ハミング距離と前記適合度との 2 軸で張られた平面上の頻度分布を求める第 4 の過程と、
前記ハミング距離を複数の区間に分割し、少なくともこの区間毎に前記世代の遺伝子集団を分割して複数のグループを構成する第 5 の過程と、
遺伝子長に依存しない交叉定数を用いて前記各グループ毎の存在確率を連立微分方程式または連立差分方程式により表現する第 6 の過程と、
前記頻度分布を初期条件として前記連立微分方程式または連立差分方程式を解くことにより、遺伝的アルゴリズムの挙動を予測する第 7 の過程と、
前記予測に基づいて、遺伝的アルゴリズムのパラメータ

を変更する第 8 の過程と、
を備えたことを特徴とする遺伝的アルゴリズムの最適化方法。

【請求項 6】 対象に対応付けられた遺伝子进行操作して、この対象の最適解または近似解を検索する遺伝的アルゴリズムのパラメータを最適化する遺伝的アルゴリズムの最適化方法であって、

初期世代の遺伝子集団を発生する第 1 の過程と、
この初期世代または第 2 世代以降の任意の世代に属する遺伝子毎にそれぞれ適合度を評価する第 2 の過程と、
前記世代に属する最も適合度の高い遺伝子に対する各遺伝子のハミング距離を計算する第 3 の過程と、
前記世代の遺伝子集団について前記ハミング距離と前記適合度との 2 軸で張られた平面上の頻度分布を求める第 4 の過程と、

前記ハミング距離を複数の区間に分割し、少なくともこの区間毎に前記世代の遺伝子集団を分割して複数のグループを構成する第 5 の過程と、

遺伝子長に依存しない交叉定数を用いて前記各グループ毎の存在確率を遺伝子長の 3 倍以下の変数の数の連立微分方程式または連立差分方程式により表現する第 6 の過程と、

前記頻度分布を初期条件として前記連立微分方程式または連立差分方程式を解くことにより、遺伝的アルゴリズムの挙動を予測する第 7 の過程と、

前記予測に基づいて、遺伝的アルゴリズムのパラメータを変更する第 8 の過程と、

を備えたことを特徴とする遺伝的アルゴリズムの最適化方法。

【請求項 7】 対象に対応付けられた遺伝子进行操作して、この対象の最適解または近似解を検索する遺伝的アルゴリズムのパラメータを最適化する遺伝的アルゴリズムの最適化方法であって、

初期世代の遺伝子集団を発生する第 1 の過程と、
この初期世代または第 2 世代以降の任意の世代に属する遺伝子毎にそれぞれ適合度を評価する第 2 の過程と、
前記世代に属する最も適合度の高い遺伝子に対する各遺伝子のハミング距離を計算する第 3 の過程と、
前記世代の遺伝子集団について前記ハミング距離と前記適合度との 2 軸で張られた平面上の頻度分布を求める第 4 の過程と、

前記ハミング距離を複数の区間に分割し、少なくともこの区間毎に前記世代の遺伝子集団を分割して複数のグループを構成する第 5 の過程と、

遺伝子長と遺伝子集団サイズとのいずれか一方または双方に依存する交叉定数を用いて前記各グループ毎の存在確率を連立微分方程式または連立差分方程式により表現する第 6 の過程と、

前記頻度分布を初期条件として前記連立微分方程式または連立差分方程式を解くことにより、遺伝的アルゴリ

ズムの挙動を予測する第 7 の過程と、

前記予測に基づいて、遺伝的アルゴリズムのパラメータを変更する第 8 の過程と、

を備えたことを特徴とする遺伝的アルゴリズムの最適化方法。

【請求項 8】 対象に対応付けられた遺伝子进行操作して、この対象の最適解または近似解を検索する遺伝的アルゴリズムのパラメータを最適化する遺伝的アルゴリズムの最適化方法であって、

初期世代の遺伝子集団を発生する第 1 の過程と、
この初期世代または第 2 世代以降の任意の世代に属する遺伝子毎にそれぞれ適合度を評価する第 2 の過程と、
前記世代に属する最も適合度の高い遺伝子に対する各遺伝子のハミング距離を計算する第 3 の過程と、
前記世代の遺伝子集団について前記ハミング距離と前記適合度との 2 軸で張られた平面上の頻度分布を求める第 4 の過程と、

前記ハミング距離を複数の区間に分割し、少なくともこの区間毎に前記世代の遺伝子集団を分割して複数のグループを構成する第 5 の過程と、

遺伝子長と遺伝子集団サイズとのいずれか一方または双方に依存する交叉定数を用いて前記各グループ毎の存在確率を遺伝子長の 3 倍以下の変数の数の連立微分方程式または連立差分方程式により表現する第 6 の過程と、

前記頻度分布を初期条件として前記連立微分方程式または連立差分方程式を解くことにより、遺伝的アルゴリズムの挙動を予測する第 7 の過程と、

前記予測に基づいて、遺伝的アルゴリズムのパラメータを変更する第 8 の過程と、

を備えたことを特徴とする遺伝的アルゴリズムの最適化方法。

【請求項 9】 n を自然数としたとき、第 n 世代の遺伝子集団のサイズをこれに続く第 $n+1$ 世代の遺伝子集団のサイズより大きくしたことを特徴とする請求項 1 乃至請求項 8 のいずれか 1 項記載の遺伝的アルゴリズムの最適化方法。

【請求項 10】 前記パラメータは、最適化対象に対応付けられた遺伝子の長さ、遺伝子集団のサイズ、遺伝子の適合度に応じた複製率、交叉率及び突然変異率の中から任意に選ばれた一つのパラメータまたはこれらの任意の組合せを含むものであることを特徴とする請求項 1 ないし請求項 9 のいずれか 1 項記載の遺伝的アルゴリズムの最適化方法。

【請求項 11】 産業上または技術上の資源である最適化対象に対応付けられた遺伝子进行操作して、この対象の最適解または近似解を検索する遺伝的アルゴリズムのパラメータを最適化する遺伝的アルゴリズムの最適化方法であって、

初期世代の遺伝子集団を発生する第 1 の過程と、
この初期世代または第 2 世代以降の任意の世代に属する

遺伝子毎にそれぞれ適合度を評価する第2の過程と、
前記世代に属する最も適合度の高い遺伝子に対する各遺伝子のハミング距離を計算する第3の過程と、
前記世代の遺伝子集団について前記ハミング距離と前記適合度との2軸で張られた平面上の頻度分布を求める第4の過程と、
前記頻度分布に応じて、遺伝的アルゴリズムのパラメータを変更する第5の過程と、
を備えたことを特徴とする遺伝的アルゴリズムの最適化方法。

【請求項12】 対象に対応付けられた遺伝子进行操作して、この対象の最適解または近似解を検索する遺伝的アルゴリズムの挙動を解析する遺伝的アルゴリズムの解析システムであって、
前記遺伝子毎にそれぞれ適合度を評価する適合度評価手段と、
ある遺伝子集団に属する遺伝子のうち最も適合度の高い遺伝子に対する各遺伝子のハミング距離を計算するハミング距離計算手段と、
前記遺伝子集団について前記ハミング距離と前記適合度との2軸で張られた平面上の頻度分布を求める頻度分布計算手段と、
前記頻度分布を表示する表示手段と、
を備えてなり、対象に遺伝子に対応付けた段階、または遺伝的アルゴリズムの実行の任意の段階において、遺伝子の前記頻度分布を前記表示手段に表示することが可能なことを特徴とする遺伝的アルゴリズムの解析システム。

【請求項13】 対象に対応付けられた遺伝子进行操作して、この対象の最適解または近似解を検索する遺伝的アルゴリズムの挙動を解析する遺伝的アルゴリズムの解析システムであって、
前記遺伝子毎にそれぞれ適合度を評価する適合度評価手段と、
ある遺伝子集団に属する遺伝子のうち最も適合度の高い遺伝子に対する各遺伝子のハミング距離を計算するハミング距離計算手段と、
前記最も適合度の高い遺伝子を最上の階層とし、前記ハミング距離毎に他の遺伝子を階層分類し、前記ハミング距離が1だけ異なる遺伝子間で互いに各遺伝子座を示す符号が一つだけ異なる遺伝子を関係づけた遺伝子系統樹を作成する遺伝子系統樹作成手段と、
前記遺伝子系統樹を表示する表示手段と、
を備えてなり、対象に遺伝子に対応付けた段階、または遺伝的アルゴリズムの実行の任意の段階において、前記遺伝子系統樹を前記表示手段に表示することが可能なことを特徴とする遺伝的アルゴリズムの解析システム。

【発明の詳細な説明】

【0001】

【発明の属する技術分野】 本発明は、生物の進化過程に

ヒントを得た遺伝的操作により最適解を求める遺伝的アルゴリズムの最適化方法に関する。

【0002】

【従来の技術】 遺伝的アルゴリズムは、突然変異と選択淘汰に基づくダーウィンの進化論に着想を得たアルゴリズムであり、確率的探索・学習・最適化の一手法と考えることができる。

【0003】 遺伝的アルゴリズムを適用するのに好適な問題は、最適解を求めるアルゴリズムを定式的に記述できないが、解の評価は可能であるという性質の問題である。すなわち現実世界には、基本的に最適解が知られてなく、解法も確立していないか、或いは最適解の求め方が非常に非効率で実用にならない問題ではあるが、個々の解の評価は比較的簡単な計算処理で行える問題、例えばナップサック問題、巡回セールスマン問題、回路配置問題、線形計画問題等が多数存在する。

【0004】 また、任意の解を評価するための装置を製造し、解の候補を実験的に評価することが可能な問題、例えば、流体力学的形状最適化問題、エンジン制御最適化問題等がある。

【0005】 この様な問題に対して、最適化対象を符号化することにより遺伝子に対応づけ、この遺伝子に選択、交叉、突然変異等の遺伝的操作を施して順次新しい世代の遺伝子を生成して最適解を探索する手法があり、遺伝的アルゴリズムと呼ばれている。

【0006】 次に、図11に従来の遺伝的アルゴリズムを用いた最適化装置の例として翼形状の最適化装置の構成を示す。同図に示す最適化装置101は、風洞内に設けられた可変翼装置121と、この可変翼装置121に内蔵されその断面形状を任意に可変させる機械装置123と、可変翼装置121の抵抗係数を測定する抵抗係数測定装置125と、後述される遺伝的アルゴリズムを用いて最適化を進めるための計算装置とから構成されている。

【0007】 可変翼装置121は、図12に示すように、翼の先端部を形成する先端棧131と、翼上面を形成するバネ鋼の薄板155と、翼の下面及び側面を形成する外枠151と、外枠と薄板との間を気密を保つパッキン145と、翼の長さ方向と平行に配置された6本のシャフト133と、各シャフト133に対応する6個の調節用ネジ143と、各シャフト133に取り付けられた梁137と主要な構成品として組み立てられている。

【0008】 それぞれのシャフト133にはネジ溝が設けられ、それぞれ対応する梁137のネジ孔に螺合された後、シャフト133及び梁137に設けられた溝にくさび139を打ち込んで、互いに固着されている。これにより、シャフト133と梁137とが一体化され、シャフト133の回転角に応じて梁137が翼上面の薄板155を持ち上げるようなカムシャフト構造が形成されている。

【0009】各シャフト133の一端部には傘歯車141が設けられ、それぞれ対応する調整ネジ143の上端部に設けられた傘歯車と噛み合い、翼下面から調整ネジ143の下端部を回動させることにより、各シャフト133の回転角、すなわちそのシャフト上部の翼上面位置を調整できるようになっている。

【0010】計算装置は、入力装置103と、コンソール119と、遺伝的アルゴリズム実行装置109と、乱数発生装置111と、出力装置113と、補助記憶装置115と、プリンタ117とを含んで構成されている。入力装置103は抵抗係数測定装置125から抵抗計数値を計算装置に入力するための装置であり、コンソール119はCRTとキーボードとを備え、操作者が計算装置及び本最適化装置全体に指示を与えたり、その状態を監視するための装置である。

【0011】遺伝的アルゴリズム実行装置109は、遺伝的アルゴリズムにより問題の最適解を探索する装置であり、汎用計算機または専用計算機が用いられる。乱数発生装置111は、数学的または論理的に疑似乱数を発生させる装置であり、初期世代の遺伝子の発生や、交叉させる遺伝子対の選択、交叉位置の選択、突然変異を起こす遺伝子の選択及び突然変異発生位置の選択等、遺伝的アルゴリズムの実行に必要な種々の乱数を与えるものである。

【0012】出力装置113は、遺伝的アルゴリズムにより得られた解候補である遺伝子をその表現型である翼

形状に変換する（遺伝子をその表現型に変換することは、デコードと呼ばれる）するために、機械装置123へ出力するインタフェースとなる。

【0013】補助記憶装置115には、遺伝的アルゴリズムを実行するためのプログラムや、遺伝的アルゴリズムのパラメータ、等が記憶され、必要に応じて遺伝的アルゴリズム実行装置109の内部記憶に読み出される。プリンタ117は、遺伝的アルゴリズムの実行結果を印刷するためのものである。

【0014】図13は、遺伝的アルゴリズム実行装置109で実行される従来の遺伝的アルゴリズムによる最適化方法の処理手順を示すフローチャートである。

【0015】同図において、最初に、対象となる問題を遺伝子に対応づけるために文字列にコード化する（ステップS910）。以下の説明においては、可変翼装置の6カ所の可動位置を翼ベース形状（最適化を行う基となる形状）から上下にそれぞれ2及び4mm変位させることができるものとして説明する。

【0016】まず、図14に示すように、可変翼装置上の可動位置のそれぞれの上下方向の変位量、-4mm、-2mm、2mm、4mmをそれぞれ2ビットの数値、00、01、10、11で表現する。この対応関係を表1に示す。

【0017】

【表1】

翼上面の各点における変位量から遺伝情報へのコード化	
遺伝子情報	翼形状の変更量（上下量）mm
00	-4
01	-2
10	2
11	4

そして、上記6カ所の可動位置の変位に相当する数値を接続して合計12ビットとし、これを最適化対象を示す遺伝子とする。このように、遺伝子は符号列（1次元の配列）として表現され、この遺伝子の長さ（遺伝子長と呼ばれる）は、ビット長と同じ12である。

【0018】この遺伝子の定義が計算装置に入力されると、次いで、乱数発生装置により初期世代の遺伝子群を発生させる（ステップS920）。遺伝的アルゴリズム実行装置は、乱数発生装置から得た乱数を使用して、それぞれ、12ビットのN個の遺伝子を発生し（集団サイズ：N）、初期世代の遺伝子群として記憶する。

【0019】次いで、遺伝的アルゴリズムのパラメータの一つである突然変異率に基づいて、N個中のある割合の数の遺伝子をランダムに選択し、その遺伝子上のランダムに選ばれた一つの遺伝子座に対応するビットの値を反転することにより、この遺伝子に突然変異を起こさせ

る（ステップS930）。

【0020】次いで、遺伝的アルゴリズムのパラメータの一つである交叉率に基づいて、N個中のある割合の数の遺伝子対をランダムに選択し、遺伝子上のランダムに選ばれた一つの遺伝子座から遺伝子の一端までの遺伝情報を互いに交換する（単純交叉または1点交叉と呼ばれる）ことにより、交叉を起こさせる（ステップS940）。

【0021】次いで、N個の遺伝子について、それぞれの適合度を求める（ステップS950）。この場合適合度とは、それぞれの遺伝子を表現型に変換した時の抵抗係数の小ささとなり、遺伝子を表現型に変換することをデコードと呼ぶ。遺伝子の適合度を求めるには、遺伝子の持つ12ビットの値をそれぞれ2ビットずつに区切り、この値が示す変位量だけ、各可動部の位置を変化させ、この変化した翼形状で所定の風速で可変翼装置が受

ける抗力を測定し、抵抗係数（Cd値）を計算する。このCd値は、この遺伝子の適合度として入力装置を介して遺伝的アルゴリズム実行装置にフィードバックされる。

【0022】こうして、この世代に属する全ての遺伝子が評価されると、収束条件（評価された適合度が所定の状態に到達する。あるいは、一定回数の世代交代が完了する等。）が満足されるかどうかを判定し（ステップS960）、収束条件が満足されていれば、最適解を出力して（ステップS980）、終了する。

【0023】収束条件が満足されなければ、適合度が最も高い（Cd値が最も小さい）遺伝子を遺伝的アルゴリズムのパラメータの一つである複製率に応じて増やし、適合度の小さい遺伝子を同数だけ除去（淘汰）し（ステップS970）、突然変異のステップ（S930）へ戻る。この繰り返しにより、Cd値が最小となる可変翼装置の形状すなわち最適解が求められる。各遺伝的アルゴリズムのパラメータをそれぞれ、遺伝子長 $L=12$ 、集団サイズ $N=3$ 、突然変異率 $\alpha M=2/3$ 、交叉率 $\alpha C=2/3$ 、複製率 $1/3$ とした場合の様子を図15に示す。

【0024】なお、上記の遺伝的アルゴリズムは、従来の遺伝的アルゴリズムまたは進化的アルゴリズムの一例を示すもので、例えば、交叉、突然変異、複製の順序は任意であり、また、複製や突然変異のさせ方が異なるものや、2点間の遺伝子を交換する2点交叉等交叉の方法が異なるもの、また交叉または突然変異の一方がないものもある。

【0025】

【発明が解決しようとする課題】ところで、遺伝的アルゴリズムを適用する問題が異なると、複製率、交叉率、突然変異率等の遺伝的アルゴリズム自体のパラメータの最適な値が変わる。例えば、上記翼形状の最適化においては、翼のベース形状が異なる場合や、抵抗係数を求めるときの風速等が異なる場合、遺伝的アルゴリズムの最適なパラメータ値も異なる。

【0026】しかしながら、従来の遺伝的アルゴリズムによる最適化方法においては、これらのパラメータを問題に応じて最適化する方法が確立されてなく、試行錯誤的にこれらのパラメータを設定していた。このため、遺伝的アルゴリズムによって問題の最適解または近似解を得るまでに非常に多くの時間が必要であったり、局所解に陥ったりして探索に失敗する場合があるという問題点があった。

【0027】また、これらのパラメータを問題に応じて最適化する方法が確立されていないために、遺伝的アルゴリズムの使用者の個人的な職人芸（直感）に頼ってパラメータを設定していたため、遺伝的アルゴリズムを現実問題に適用するにはかなりの使用経験を要するという問題点があった。

【0028】以上の問題点に鑑み、本発明の第1の課題は、適用する問題に依存せずにパラメータの最適化を自動化できる遺伝的アルゴリズムの最適化方法を提供することである。

【0029】また本発明の第2の課題は、使用経験の多寡に拘わらず誰にでも使用可能な遺伝的アルゴリズムの最適化方法を提供することである。

【0030】

【課題を解決するための手段】上記課題を解決するため、本発明は次の構成を有する。すなわち、請求項1記載の発明は、対象に対応付けられた遺伝子进行操作して、この対象の最適解または近似解を検索する遺伝的アルゴリズムのパラメータを最適化する遺伝的アルゴリズムの最適化方法であって、初期世代の遺伝子集団を発生する第1の過程と、この初期世代または第2世代以降の任意の世代に属する遺伝子毎にそれぞれ適合度を評価する第2の過程と、前記世代に属する最も適合度の高い遺伝子に対する各遺伝子のハミング距離を計算する第3の過程と、前記世代の遺伝子集団について前記ハミング距離と前記適合度との2軸で張られた平面上の頻度分布を求める第4の過程と、前記頻度分布に応じて、遺伝的アルゴリズムのパラメータを変更する第5の過程と、を備えたことを要旨とする。

【0031】また、請求項2記載の発明は、対象に対応付けられた遺伝子进行操作して、この対象の最適解または近似解を検索する遺伝的アルゴリズムのパラメータを最適化する遺伝的アルゴリズムの最適化方法であって、初期世代の遺伝子集団を発生する第1の過程と、この初期世代または第2世代以降の任意の世代に属する遺伝子毎にそれぞれ適合度を評価する第2の過程と、前記世代に属する最も適合度の高い遺伝子に対する各遺伝子のハミング距離を計算する第3の過程と、前記世代の遺伝子集団について前記ハミング距離と前記適合度との2軸で張られた平面上の頻度分布を求める第4の過程と、前記頻度分布が遺伝的アルゴリズムでは最適解が得られない分布を示す場合に、最適化対象と遺伝子との対応づけを変化させて第1または第2の過程に戻る第5の過程と、前記頻度分布に応じて、遺伝的アルゴリズムのパラメータを変更する第6の過程と、を備えたことを要旨とする。

【0032】また、請求項3記載の発明は、対象に対応付けられた遺伝子进行操作して、この対象の最適解または近似解を検索する遺伝的アルゴリズムのパラメータを最適化する遺伝的アルゴリズムの最適化方法であって、初期世代の遺伝子集団を発生する第1の過程と、この初期世代または第2世代以降の任意の世代に属する遺伝子毎にそれぞれ適合度を評価する第2の過程と、前記世代に属する最も適合度の高い遺伝子に対する各遺伝子のハミング距離を計算する第3の過程と、前記世代に属する遺伝子間の適合度差の最小値より大きい適合度階差により前記遺伝子集団を区分するか、あるいは前記世代に属す

る遺伝子間のハミング距離差の最小値より大きいハミング距離階差により前記遺伝子集団を区分し、この区分毎に前記世代の遺伝子集団について頻度分布を求める第4の過程と、前記頻度分布に応じて、遺伝的アルゴリズムのパラメータを変更する第5の過程と、を備えたことを要旨とする。

【0033】また、請求項4記載の発明は、対象に対応付けられた遺伝子进行操作して、この対象の最適解または近似解を検索する遺伝的アルゴリズムのパラメータを最適化する遺伝的アルゴリズムの最適化方法であって、初期世代の遺伝子集団を発生する第1の過程と、この初期世代または第2世代以降の任意の世代に属する遺伝子毎にそれぞれ適合度を評価する第2の過程と、前記世代に属する最も適合度の高い遺伝子であるエリートに対する各遺伝子のハミング距離を計算する第3の過程と、前記エリート及び前記ハミング距離が最大となる遺伝子のいずれか一方、または双方から、少なくとも1つの変異体の遺伝子を作る第4の過程と、これら変異体の遺伝子について、それぞれ適合度及び前記エリートに対する各遺伝子のハミング距離を計算する第5の過程と、これら変異体の遺伝子及び前記世代の遺伝子について前記ハミング距離と前記適合度との2軸で張られた平面上の頻度分布を求める第6の過程と、前記頻度分布に応じて、遺伝的アルゴリズムのパラメータを変更する第7の過程と、を備えたことを要旨とする。

【0034】また、請求項5記載の発明は、対象に対応付けられた遺伝子进行操作して、この対象の最適解または近似解を検索する遺伝的アルゴリズムのパラメータを最適化する遺伝的アルゴリズムの最適化方法であって、初期世代の遺伝子集団を発生する第1の過程と、この初期世代または第2世代以降の任意の世代に属する遺伝子毎にそれぞれ適合度を評価する第2の過程と、前記世代に属する最も適合度の高い遺伝子に対する各遺伝子のハミング距離を計算する第3の過程と、前記世代の遺伝子集団について前記ハミング距離と前記適合度との2軸で張られた平面上の頻度分布を求める第4の過程と、前記ハミング距離を複数の区間に分割し、少なくともこの区間毎に前記世代の遺伝子集団を分割して複数のグループを構成する第5の過程と、遺伝子長に依存しない交叉定数を用いて前記各グループ毎の存在確率を連立微分方程式または連立差分方程式により表現する第6の過程と、前記頻度分布を初期条件として前記連立微分方程式または連立差分方程式を解くことにより、遺伝的アルゴリズムの挙動を予測する第7の過程と、前記予測に基づいて、遺伝的アルゴリズムのパラメータを変更する第8の過程と、を備えたことを要旨とする。

【0035】また請求項6記載の発明は、対象に対応付けられた遺伝子进行操作して、この対象の最適解または近似解を検索する遺伝的アルゴリズムのパラメータを最適化する遺伝的アルゴリズムの最適化方法であって、初期

世代の遺伝子集団を発生する第1の過程と、この初期世代または第2世代以降の任意の世代に属する遺伝子毎にそれぞれ適合度を評価する第2の過程と、前記世代に属する最も適合度の高い遺伝子に対する各遺伝子のハミング距離を計算する第3の過程と、前記世代の遺伝子集団について前記ハミング距離と前記適合度との2軸で張られた平面上の頻度分布を求める第4の過程と、前記ハミング距離を複数の区間に分割し、少なくともこの区間毎に前記世代の遺伝子集団を分割して複数のグループを構成する第5の過程と、遺伝子長に依存しない交叉定数を用いて前記各グループ毎の存在確率を遺伝子長の3倍以下の変数の数の連立微分方程式または連立差分方程式により表現する第6の過程と、前記頻度分布を初期条件として前記連立微分方程式または連立差分方程式を解くことにより、遺伝的アルゴリズムの挙動を予測する第7の過程と、前記予測に基づいて、遺伝的アルゴリズムのパラメータを変更する第8の過程と、を備えたことを要旨とする。

【0036】また、請求項7記載の発明は、対象に対応付けられた遺伝子进行操作して、この対象の最適解または近似解を検索する遺伝的アルゴリズムのパラメータを最適化する遺伝的アルゴリズムの最適化方法であって、初期世代の遺伝子集団を発生する第1の過程と、この初期世代または第2世代以降の任意の世代に属する遺伝子毎にそれぞれ適合度を評価する第2の過程と、前記世代に属する最も適合度の高い遺伝子に対する各遺伝子のハミング距離を計算する第3の過程と、前記世代の遺伝子集団について前記ハミング距離と前記適合度との2軸で張られた平面上の頻度分布を求める第4の過程と、前記ハミング距離を複数の区間に分割し、少なくともこの区間毎に前記世代の遺伝子集団を分割して複数のグループを構成する第5の過程と、遺伝子長と遺伝子集団サイズとのいずれか一方または双方に依存する交叉定数を用いて前記各グループ毎の存在確率を連立微分方程式または連立差分方程式により表現する第6の過程と、前記頻度分布を初期条件として前記連立微分方程式または連立差分方程式を解くことにより、遺伝的アルゴリズムの挙動を予測する第7の過程と、前記予測に基づいて、遺伝的アルゴリズムのパラメータを変更する第8の過程と、を備えたことを要旨とする。

【0037】また、請求項8記載の発明は、対象に対応付けられた遺伝子进行操作して、この対象の最適解または近似解を検索する遺伝的アルゴリズムのパラメータを最適化する遺伝的アルゴリズムの最適化方法であって、初期世代の遺伝子集団を発生する第1の過程と、この初期世代または第2世代以降の任意の世代に属する遺伝子毎にそれぞれ適合度を評価する第2の過程と、前記世代に属する最も適合度の高い遺伝子に対する各遺伝子のハミング距離を計算する第3の過程と、前記世代の遺伝子集団について前記ハミング距離と前記適合度との2軸で張

られた平面上の頻度分布を求める第4の過程と、前記ハミング距離を複数の区間に分割し、少なくともこの区間毎に前記世代の遺伝子集団を分割して複数のグループを構成する第5の過程と、遺伝子長と遺伝子集団サイズとのいずれか一方または双方に依存する交叉定数を用いて前記各グループ毎の存在確率を遺伝子長の3倍以下の変数の数の連立微分方程式または連立差分方程式により表現する第6の過程と、前記頻度分布を初期条件として前記連立微分方程式または連立差分方程式を解くことにより、遺伝的アルゴリズムの挙動を予測する第7の過程と、前記予測に基づいて、遺伝的アルゴリズムのパラメータを変更する第8の過程と、を備えたことを要旨とする。

【0038】また、請求項9記載の発明は、請求項1ないし請求項8のいずれか1項記載の遺伝的アルゴリズムの最適化方法において、第 n (n は自然数) 世代の遺伝子集団のサイズをこれに続く第 $n+1$ 世代の遺伝子集団のサイズより大きくしたことを要旨とする。

【0039】また、請求項10記載の発明は、請求項1ないし請求項9のいずれか1項記載の遺伝的アルゴリズムの最適化方法において、前記パラメータは、最適化対象に対応付けられた遺伝子の長さ、遺伝子集団の大きさ、遺伝子の適合度に応じた複製率、交叉率及び突然変異率の中から任意に選ばれた一つのパラメータまたはこれらの任意の組合せを含むものであることを要旨とする。

【0040】また、請求項11記載の発明は、産業上または技術上の資源である最適化対象に対応付けられた遺伝子に対して、パラメータに応じて変更可能な遺伝的アルゴリズムを用いて世代交代を繰り返し、最適解またはその近似解を求める遺伝的アルゴリズムの最適化方法であって、初期世代の遺伝子集団を発生する第1の過程と、この初期世代または第2世代以降の任意の世代に属する遺伝子毎にそれぞれ適合度を評価する第2の過程と、前記世代に属する最も適合度の高い遺伝子に対する各遺伝子のハミング距離を計算する第3の過程と、前記世代の遺伝子集団について前記ハミング距離と前記適合度との2軸で張られた平面上の頻度分布を求める第4の過程と、前記頻度分布に応じて、遺伝的アルゴリズムのパラメータを変更する第5の過程と、を備えたことを要旨とする遺伝的アルゴリズムの最適化方法である。

【0041】また、請求項12記載の発明は、対象に対応付けられた遺伝子进行操作して、この対象の最適解または近似解を検索する遺伝的アルゴリズムの挙動を解析する遺伝的アルゴリズムの解析システムであって、前記遺伝子毎にそれぞれ適合度を評価する適合度評価手段と、ある遺伝子集団に属する遺伝子のうち最も適合度の高い遺伝子に対する各遺伝子のハミング距離を計算するハミング距離計算手段と、前記遺伝子集団について前記ハミング距離と前記適合度との2軸で張られた平面上の頻度

分布を求める頻度分布計算手段と、前記頻度分布を表示する表示手段と、を備えてなり、対象に遺伝子に対応付けた段階、または遺伝的アルゴリズム実行の任意の段階において、遺伝子の前記頻度分布を前記表示手段に表示することが可能なことを要旨とする遺伝的アルゴリズムの解析システムである。

【0042】また、請求項13記載の発明は、対象に対応付けられた遺伝子进行操作して、この対象の最適解または近似解を検索する遺伝的アルゴリズムの挙動を解析する遺伝的アルゴリズムの解析システムであって、前記遺伝子毎にそれぞれ適合度を評価する適合度評価手段と、ある遺伝子集団に属する遺伝子のうち最も適合度の高い遺伝子に対する各遺伝子のハミング距離を計算するハミング距離計算手段と、前記最も適合度の高い遺伝子を最上の階層とし、前記ハミング距離毎に他の遺伝子を階層分類し、前記ハミング距離が1だけ異なる遺伝子間で互いに各遺伝子座を示す符号が一つだけ異なる遺伝子に関係づけた遺伝子系統樹を作成する遺伝子系統樹作成手段と、前記遺伝子系統樹を表示する表示手段と、を備えてなり、対象に遺伝子に対応付けた段階、または遺伝的アルゴリズムの実行の任意の段階において、前記遺伝子系統樹を前記表示手段に表示することが可能なことを要旨とする遺伝的アルゴリズムの解析システムである。

【0043】

【発明の効果】以上説明したように請求項1記載の発明によれば、初期世代または第2世代以降の任意の世代に属する遺伝子毎にハミング距離と適合度との2軸で張られた平面（以下、ハミング距離-適合度平面と呼ぶ）上の頻度分布を求め、この頻度分布に応じて遺伝的アルゴリズムのパラメータを変更することにより、遺伝的アルゴリズムのパラメータ最適化を自動化し、遺伝的アルゴリズムによる最適解の探索時間を短縮することができるという効果を奏する。また、使用経験を積まなくても誰にでも遺伝的アルゴリズムの最適化方法を利用可能とすることができるという効果を奏する。

【0044】また、請求項2記載の発明によれば、初期世代または第2世代以降の任意の世代に属する遺伝子毎にハミング距離-適合度平面上の頻度分布を求め、この頻度分布が遺伝的アルゴリズムでは最適解が得られない分布を示す場合に、最適化対象と遺伝子との対応づけを変化させて、初期世代の遺伝子集団を発生または遺伝子毎の適合度の評価に戻ることにより、遺伝的アルゴリズムに不適当な最適化対象と遺伝子との対応づけによる無駄な処理時間を除去し、遺伝的アルゴリズムのパラメータ最適化を自動化し、遺伝的アルゴリズムによる最適解の探索時間を短縮することができるという効果を奏する。また、使用経験を積まなくても誰にでも遺伝的アルゴリズムの最適化方法を利用可能とすることができるという効果を奏する。

【0045】また、請求項3記載の発明によれば、初期

世代または第2世代以降の任意の世代に属する遺伝子毎にハミング距離と適合度とをそれぞれ求め、この世代に属する遺伝子間の適合度差の最小値より大きい適合度階差、または、この世代に属する遺伝子間のハミング距離差の最小値より大きいハミング距離階差によりこの遺伝子集団を区分して適合度区分を作り、この適合度区分毎にこの世代の遺伝子集団について頻度分布を求めるようにしたので、前記頻度分布が多数の小さい山谷形状を含む場合においても、最適化パラメータの値に影響しない頻度分布上の小さい山谷形状が除去され、問題の基本的な性質を示す頻度分布の巨視的な山谷形状を抽出して、パラメータの最適値に対応づけることができ、これによりパラメータ最適化を自動化し、遺伝的アルゴリズムによる最適解の探索時間を短縮することができるという効果を奏する。また、使用経験を積まなくても誰にでも遺伝的アルゴリズムの最適化方法を利用可能とすることができるという効果を奏する。

【0046】また、請求項4記載の発明によれば、初期世代または第2世代以降の任意の世代に属する最も適合度の高い遺伝子であるエリートとこのエリートから最もハミング距離が離れた遺伝子のいずれか一方、または双方から、少なくとも1つの変異体の遺伝子を作り、これら変異体の遺伝子及びこの世代の遺伝子についてハミング距離一適合度平面上の頻度分布を求め、この頻度分布に応じて遺伝的アルゴリズムのパラメータを変更することにより、ハミング距離一適合度平面上の遺伝子数の少ない部分の頻度分布を補うことができ、より一層正確に遺伝的アルゴリズムのパラメータ最適化を自動化し、遺伝的アルゴリズムによる最適解の探索時間を短縮することができるという効果を奏する。また、使用経験を積まなくても誰にでも遺伝的アルゴリズムの最適化方法を利用可能とすることができるという効果を奏する。

【0047】また、エリートの変異体の適合度を求めることにより、最適解（あるいは、これに準じる解）が安定であるか、否かの判定が容易となり、求めた最適解の外乱に対する安定性がわかるという効果がある。

【0048】この最適解の外乱に対する安定性とは、例えば、最適な翼形状を製造する場合、実際には製造公差により、予め規定された精度内の誤差が生じる。また実際の使用環境（例えば、飛行中の荷重の変化）等により翼形状に変化が生じることもある。このため、最適な翼形状から微妙な形状の変化が、著しい抵抗係数の増加を来すことは望ましくない。このため、適用する問題の性質によっては重要となる最適解の安定性の評価も併せて提示できるという効果を奏する。

【0049】また、請求項5記載の発明によれば、初期世代または第2世代以降の任意の世代に属する遺伝子毎にハミング距離一適合度平面上の頻度分布を求め、この平面上の遺伝子を複数のグループ毎に分割し、遺伝子長に依存しない交叉定数を用いてこれらグループ毎の存在

確率を示す連立微分方程式または連立差分方程式を前記頻度分布を初期条件として解くことにより、遺伝的アルゴリズムの挙動を予測することができる。

【0050】そして、この予測に基づいて遺伝的アルゴリズムのパラメータを変更することにより、遺伝的アルゴリズムのパラメータ最適化を自動化し、遺伝的アルゴリズムによる最適解の探索時間を短縮することができるという効果を奏する。また、使用経験を積まなくても誰にでも遺伝的アルゴリズムの最適化方法を利用可能とすることができるという効果を奏する。

【0051】また請求項6記載の発明によれば、初期世代または第2世代以降の任意の世代に属する遺伝子毎にハミング距離一適合度平面上の頻度分布を求め、この平面上の遺伝子をハミング距離に応じて複数のグループ毎に分割し、遺伝子長に依存しない交叉定数を用いてこれらグループ毎の存在確率を示す遺伝子長の3倍以下の変数の数の連立微分方程式または連立差分方程式を前記頻度分布を初期条件として解くことにより、遺伝的アルゴリズムの挙動を予測することができる。

【0052】そして、この予測に基づいて遺伝的アルゴリズムのパラメータを変更することにより、遺伝的アルゴリズムのパラメータ最適化を自動化し、遺伝的アルゴリズムによる最適解の探索時間を短縮することができるという効果を奏する。また、使用経験を積まなくても誰にでも遺伝的アルゴリズムの最適化方法を利用可能とすることができるという効果を奏する。

【0053】また、請求項7記載の発明によれば、初期世代または第2世代以降の任意の世代に属する遺伝子毎にハミング距離一適合度平面上の頻度分布を求め、この平面上の遺伝子を複数のグループ毎に分割し、遺伝子長と遺伝子集団サイズとのいずれか一方または双方に依存する交叉定数を用いてこれらグループ毎の存在確率を示す連立微分方程式または連立差分方程式を前記頻度分布を初期条件として解くことにより、遺伝的アルゴリズムの挙動を予測することができる。

【0054】そして、この予測に基づいて遺伝的アルゴリズムのパラメータを変更することにより、遺伝的アルゴリズムのパラメータ最適化を自動化し、遺伝的アルゴリズムによる最適解の探索時間を短縮することができるという効果を奏する。また、使用経験を積まなくても誰にでも遺伝的アルゴリズムの最適化方法を利用可能とすることができるという効果を奏する。

【0055】また、請求項8記載の発明によれば、初期世代または第2世代以降の任意の世代に属する遺伝子毎にハミング距離一適合度平面上の頻度分布を求め、この平面上の遺伝子をハミング距離に応じて複数のグループ毎に分割し、遺伝子長と遺伝子集団サイズとのいずれか一方または双方に依存する交叉定数を用いてこれらグループ毎の存在確率を示す遺伝子長の3倍以下の変数の数の連立微分方程式または連立差分方程式を前記頻度分布

を初期条件として解くことにより、遺伝的アルゴリズムの挙動を予測することができる。

【0056】そして、この予測に基づいて遺伝的アルゴリズムのパラメータを変更することにより、遺伝的アルゴリズムのパラメータ最適化を自動化し、遺伝的アルゴリズムによる最適解の探索時間を短縮することができるという効果を奏する。また、使用経験を積まなくても誰にでも遺伝的アルゴリズムの最適化方法を利用可能とすることができるという効果を奏する。

【0057】また、請求項9記載の発明によれば、第 n 世代の遺伝子集団のサイズをこれに続く第 $n+1$ 世代の遺伝子集団のサイズより大きくすることにより、サンプル数が大きい第 n 世代の遺伝子集団についてハミング距離—適合度平面上の頻度分布を求めることにより、さらに一層正確に問題の性質を表す頻度分布を入手することができるという効果を奏する。また、遺伝的アルゴリズム実行の初期段階での検索密度を高めて、最適解への収束性を高めるという効果を奏する。

【0058】また、請求項10記載の発明によれば、前記パラメータは、最適化対象に対応付けられた遺伝子の長さ、遺伝子集団の大きさ、遺伝子の適合度に応じた複製率、交叉率及び突然変異率の中から任意に選ばれた一つのパラメータまたはこれらの任意の組合せを含むものとすることにより、遺伝的アルゴリズムのパラメータ最適化を自動化し、遺伝的アルゴリズムによる最適解の探索時間を短縮することができるという効果を奏する。また、使用経験を積まなくても誰にでも遺伝的アルゴリズムの最適化方法を利用可能とすることができるという効果を奏する。

【0059】また、請求項11記載の発明によれば、初期世代または第2世代以降の任意の世代に属する遺伝子毎にハミング距離—適合度平面上の頻度分布を求め、この頻度分布に応じて遺伝的アルゴリズムのパラメータを変更することにより、遺伝的アルゴリズムのパラメータ最適化を自動化し、遺伝的アルゴリズムによる産業上または技術上の資源を最適化する最適解の探索時間を短縮することができるという効果を奏する。また、使用経験を積まなくても誰にでも遺伝的アルゴリズムの最適化方法を利用可能とすることができるという効果を奏する。

【0060】また、請求項12記載の発明によれば、対象に遺伝子に対応付けた段階、または遺伝的アルゴリズムの実行の任意の段階において、ハミング距離と適合度との2軸で張られた平面上の遺伝子の頻度分布を求め、表示手段に表示することにより、最適化対象と遺伝的アルゴリズムとの適合性を判定したり、遺伝的アルゴリズムの巨視的な挙動を観察することができるという効果を奏する。

【0061】また、請求項13記載の発明によれば、対象に遺伝子に対応付けた段階、または遺伝的アルゴリズムの実行の任意の段階において、最も適合度の高い遺伝

子からのハミング距離毎に他の遺伝子を階層分類し、このハミング距離が1だけ異なる遺伝子間で互いに各遺伝子座を示す符号が一つだけ異なる遺伝子を関係づけた遺伝子系統樹を作成して表示することにより、最適化対象と遺伝的アルゴリズムとの適合性を判定したり、遺伝的アルゴリズムの巨視的な挙動を観察することができるという効果を奏する。

【0062】

【発明の実施の形態】次に図面を参照して、本発明の実施の形態を詳細に説明する。図1は、本発明に係る遺伝的アルゴリズムの最適化方法を実行する装置の構成を示すブロック図である。同図において、遺伝的アルゴリズムの最適化装置1は、入力装置103と、遺伝子の分布を求める遺伝子分布計算装置5と、遺伝子分布計算装置5の計算結果に基づいて遺伝的アルゴリズムの各種パラメータを最適化するパラメータ設定装置7と、遺伝的アルゴリズム実行装置9と、乱数発生装置111と、出力装置113と、補助記憶装置115と、プリンタ117と、コンソール119と、可変翼装置121と、可変翼装置121に内蔵された機械装置123と、抵抗係数測定装置125とを含んで構成されている。

【0063】遺伝的アルゴリズムの最適化装置1は、図11に示した従来の遺伝的アルゴリズムによる最適化装置101に、遺伝子分布計算装置5及びパラメータ設定装置7が追加されて構成されていて、他の構成要素は、図11に示した従来例の構成要素と同じであるので、同じ符号を付与して重複する説明を省略する。

【0064】まず最初に、長さ L ($L=12$) の2進数で表現される全ての可能な遺伝子 (2 の L 乗個) の集団を考える。そして、最適形状の遺伝子 ($C_d=0.88$ として唯一存在するものとし、以下最適種と呼ぶ) を示す符号: 111100001010 からのハミング距離に応じて、それぞれの遺伝子を階層に分類すると、図2に示すような分布となる。 $L=12$ であるから、最適種からのハミング距離 (以下、特に断らない限り、最適種からのハミング距離を単にハミング距離と記す) は、最適種自体を示す0から最適種の遺伝子をビット毎に反転した遺伝子を示す12までとなり、各ハミング距離 i の階層に分類された遺伝子数は、12個から i 個を取り出す組合せ、即ち、 $C(12, i)$ となる。

【0065】この階層毎の分布形状は、ハミング距離0と12とにそれぞれ1つの遺伝子があり、ハミング距離6 ($=L/2$) において最大数 $C(12, 6)$ を有する菱形となる。互いに等しいハミング距離を持つ遺伝子から構成された各層内には、同じ数値列のものは存在しないが、等しい適合度を持つものが存在する可能性がある。よって、 2 の L 乗個の全ての可能な遺伝子をハミング距離と適合度との2軸で張った平面 (以下、ハミング距離—適合度平面と呼ぶ) 上に頻度分布 (これを縮退構造と呼ぶ) としてプロットすると、例えば図3に示すよ

うな分布となる。

【0066】そして、この頻度分布の形状は、問題の候補を遺伝子にコード化する方法とこの遺伝子からデコードされた表現型の適合度関数（評価関数）とに応じて定まる。すなわち、この頻度分布の形状は、遺伝子集団の大きさ、遺伝子の適合度に応じた複製率、交叉率及び突然変異率等の遺伝的アルゴリズムのパラメータには依存せず、問題の性質を客観的かつ定量的に示す尺度である。しかし、2のL乗個の遺伝子全ての分布を調べることは、即ち全ての解を求めることと同じであり、遺伝的アルゴリズムを使用するまでもない。

【0067】そこで、遺伝的アルゴリズムの遺伝子の初期世代の集団サイズをN ($0 < N \leq 2^L$) とし、乱数により発生させたN個の遺伝子について、ハミング距離—適合度平面上の頻度分布（これを初期縮退構造と呼ぶ）を求める。Nがある程度大きければ大数の法則により、この初期世代の頻度分布の形状は、図3の分布形状を頻度軸方向にN/2Lに圧縮した形状（図3の分布形状に相似）に近い形状となることが期待できる。このことから、この初期縮退構造を用いて、以下に示すように遺伝的アルゴリズムのパラメータの最適化を考える。

【0068】この初期世代集団のN個の遺伝子による初期縮退構造は、問題を遺伝子に対応させた場合の遺伝的アルゴリズムの景観（Landscape）を与える。これにより、初期縮退構造は、遺伝的アルゴリズムの各パラメータ、交叉率 αC 、突然変異率 αM 、複製率、遺伝子長L、集団サイズNのそれぞれの最適値とは、1対1に対応するか、或いは強度の相関関係を有する。この説明は、本願発明者による文献1（Four-Group Equation of Genetic Algorithm, JSME International Journal, Series C, Vol. 38, No. 2, 1995）に詳細に記述されている。

【0069】次に、任意の問題に対して、この対応関係を利用して遺伝的アルゴリズムのパラメータを最適化することを考える。このため、予め各種の問題について、ハミング距離—適合度平面上の頻度分布と、パラメータのいろいろな値により実際に遺伝的アルゴリズムを実行して、最適なパラメータを求めて、初期縮退構造とパラメータの最適値との対応表（マップ）を作成し、例えば、パラメータ設定装置7、補助記憶装置115等に記憶させておく。

【0070】そして、遺伝的アルゴリズムにより解くべき問題が与えられると、この問題の初期縮退構造を遺伝子分布計算装置5により求め、上記対応表を検索することにより、最適なパラメータが得られる。次いで、このパラメータを利用して、遺伝的アルゴリズム実行装置9により遺伝的アルゴリズムを実行することにより、最適解が短時間で得られ、実行時間の短縮を図ることができる。

【0071】また、遺伝的アルゴリズムの使用経験がない操作者でも最適なパラメータを用いて遺伝的アルゴリズムを実行することができ、さらには初期縮退構造を求める手段と、初期縮退構造—パラメータ最適値対応表の検索手段とをリンクさせれば、人手を介在させずに、遺伝的アルゴリズムのパラメータ最適化を自動化できる。

【0072】また、適合度を評価する条件（例えば抵抗係数を求める風速、適合度評価関数等）が変わり、予期せぬ様々な環境変化に応じて、自立した最適化が可能となる。

【0073】図4は、本発明に係る遺伝的アルゴリズムの最適化方法の第1実施形態を示すフローチャート図である。図4のフローチャートにおいて、初期世代の遺伝子集団について、最も適合度の高い遺伝子に対する各遺伝子のハミング距離と適合度との2軸で張られた平面上の頻度分布に応じて、遺伝的アルゴリズムのパラメータを変更する手順が示されている。

【0074】まず、対象となる問題を遺伝子に対応づけるために文字列にコード化する（ステップS110）。次いで、集団サイズNの初期世代の遺伝子群を発生する（ステップS120）。この初期世代の遺伝子群の発生には、乱数発生装置111から得られた乱数を用いてもよいし、熱対流に関するローレンツ・モデルや、バネ・質量系の振動を表現する非線形方程式等から得られた数値を初期世代の遺伝子群の値に用いてもよい。もちろん任意の値を初期世代の遺伝子群とすることもできる。

【0075】次いで、この初期世代に属する各遺伝子の適合度が評価される（ステップS130）。遺伝子の適合度評価は、それぞれの遺伝子をデコードし、出力装置113から機械装置123に可変翼装置制御信号を出力して、遺伝子の表現型である翼形状に変化させる。この形状が変化した可変翼装置121は、風洞中で抵抗係数測定装置125により抵抗力が測定され、この抵抗力から抵抗係数（Cd値）が計算される。各遺伝子に対応するCd値は、入力装置103を介して遺伝的アルゴリズム実行装置9に戻される。

【0076】この初期世代に属する全ての遺伝子の適合度の評価が終わると、遺伝子分布計算装置5により、遺伝子の初期縮退構造が計算される。この計算には、まず、この初期世代の遺伝子の中から最も適合度の高い遺伝子の持つ符号を基準として、各遺伝子の対応する遺伝子座の符号が異なる数を計数し、ハミング距離を求める（ステップS140）。このハミング距離の定義は、一般の符号理論で用いられるハミング距離と同一である。

【0077】次いで、ハミング距離と適合度との2軸で張られた平面上にこの世代に属する全ての遺伝子をプロットし、頻度分布を求める（ステップS150）。この頻度分布（初期縮退構造）は、遺伝的アルゴリズムにおけるこの遺伝子群の巨視的な挙動を示すものとなる。

【0078】次いで、この頻度分布に応じて、パラメー

タ設定装置7が遺伝的アルゴリズムのパラメータ、例えば、複製率、交叉率及、突然変異率等を最適化する（ステップS160）。次いで、これら最適化されたパラメータを用いて、遺伝的アルゴリズム実行装置9が、突然変異、交叉、淘汰、複製等の処理を行い、次世代の遺伝子群を生成する（ステップS170）。次いで、この遺伝子群について、ステップS130と同様に、遺伝子毎に適合度を評価する（ステップS180）。

【0079】次いで、収束条件が満足されるか否かが判定される（ステップS190）。収束条件が満足されていれば、最適解を出力して（ステップS200）、終了する。

【0080】収束条件が満足されていないならば、ステップS170へ戻り、遺伝的アルゴリズムの実行を継続する。

【0081】なお、本実施の形態においては、初期世代の遺伝子群について、ハミング距離－適合度平面上の頻度分布を求めたが、初期世代に限らず任意の世代の遺伝子群についてハミング距離－適合度平面上の頻度分布を求め、この頻度分布に応じて、遺伝的アルゴリズムのパラメータを最適化してもよい。

【0082】図5は、本発明に係る遺伝的アルゴリズムの最適化方法の第2実施形態を示すフローチャート図である。図5のフローチャートにおいて、初期世代の遺伝

子集団について、最も適合度の高い遺伝子に対する各遺伝子のハミング距離と適合度との2軸で張られた平面上の頻度分布を求め、この頻度分布が遺伝的アルゴリズムでは最適解が得られない分布であるとき、最適化対象と遺伝子との対応づけを変更する手順が示されている。なお、図4に示した最適化方法の第1実施形態と同じステップには、同じステップ番号を付与して、重複する説明は省略する。

【0083】図5において、ステップS110からステップS150までは、図4の第1実施形態と同様である。次いで、ハミング距離－適合度平面上の遺伝子の頻度分布の形状が判定され、遺伝的アルゴリズムにより最適解が得られる分布か否かが判定される（ステップS152）。この頻度分布の形状が急峻な形状をしている場合等には、遺伝的アルゴリズムにより最適解が得られないとして、先のステップS110で行った最適化対象と遺伝子との対応づけを変更し（ステップS154）、ステップS120またはステップS130へ戻る。

【0084】この変更は、例えば、従来技術の項記載の表1による最適化対象と遺伝子との対応づけから、下記の表2または表3等の対応づけに変更することである。

【0085】

【表2】

翼上面の各点における変位量から遺伝情報へのコード化	
遺伝子情報	翼形状の変更量（上下量）mm
11	-4
10	-2
01	2
00	4

【表3】

翼上面の各点における変位量から遺伝情報へのコード化	
遺伝子情報	翼形状の変更量（上下量）mm
01	-4
00	-2
10	2
11	4

ステップS152の判定において、最適化対象と遺伝子との対応づけを如何に変更しても、最適解が得られない初期縮退構造であれば、これは、遺伝的アルゴリズムに不向きな問題であるので、適当な打ち切り条件により中止する。

【0086】ステップS152の判定において、遺伝的アルゴリズムにより最適解が得られる分布であると判定されると、次いで、図4と同様に、ステップS160以下の手順が実行される。

【0087】図6は、本発明に係る遺伝的アルゴリズムの最適化方法の第3実施形態を示すフローチャート図である。図6のフローチャートにおいて、初期世代の遺伝子集団について、最も適合度の高い遺伝子に対する各遺伝子のハミング距離と適合度との2軸で張られた平面上の頻度分布を求め、この頻度分布に非常に多くの山があり、初期縮退構造と遺伝的アルゴリズムの各パラメータの最適値との対応をマップで求められない場合に、ハミング距離－適合度平面上の巨視的な頻度分布を用いる手

順が示されている。なお、図4に示した最適化方法の第1実施形態と同じステップには、同じステップ番号を付与して、重複する説明は省略する。

【0088】図6において、ステップS110からステップS150までは、図4の第1実施形態と同様である。次いで、ハミング距離—適合度平面上的遺伝子の頻度分布の形状が判定され、多数の山谷形状があるか否かが判定される（ステップS156）。この頻度分布が多数の山谷形状を有している場合、そのパターンは膨大となり、頻度分布の形状と最適パラメータの値というマップでは対応できなくなるので、ハミング距離または適合度のいずれか一方または双方の区分け範囲（以下、窓と呼ぶ）を大きくして、巨視的な頻度分布を求める（ステップS158）。

【0089】遺伝的アルゴリズムの最適化過程に影響を与える問題の性質は、この縮退構造の大きな山谷形状であるため、頻度を求めるための窓の広さを比較的大きく取って得られた分布形状で十分であり、この巨視的な頻度分布を用いて、遺伝的アルゴリズムのパラメータの最適化を行う。これ以後の処理は、図4のステップS160以下の処理と同様である。

【0090】窓の広さの例としては、ハミング距離が6の遺伝子の適合度がそれぞれ、1.0, 0.95, 0.91, 0.72, 0.66, 0.65, 0.65, 0.33, 0.31である場合、最小の適合度の差異は、0.01である。この時、適合度方向の頻度を計る幅（適合度階差）を0.01とした場合の頻度分布と、適合度方向の頻度を計る幅を0.10とした場合の頻度分布を図7（a）、（b）に示す。図7（a）では山が5個、図7（b）では山が3個であり、小さな山谷形状は、最適化パラメータの値に影響しないため、図7（b）の分布を初期縮退構造として利用するものである。

【0091】図8は、本発明に係る遺伝的アルゴリズムの最適化方法の第4実施形態を示すフローチャート図である。図8のフローチャートにおいて、初期世代の遺伝子集団について、最も適合度の高い遺伝子（以下、エリートと呼ぶ）及びこのエリートから最もハミング距離が遠い遺伝子に対する変異体を生成して、初期世代の遺伝子とこれら変異体の遺伝子とを合わせて、頻度分布を求める手順が示されている。なお、図4に示した最適化方法の第1実施形態と同じステップには、同じステップ番号を付与して、重複する説明は省略する。

【0092】図8において、ステップS110からステップS140までは、図4の第1実施形態と同様である。次いで、最も適合度の高い遺伝子をエリートとし、

$$\frac{dx_i(t)}{dt} = \sum_{j,k \in \Omega_0} C_{ijk} \alpha_j x_j(t) x_k(t) + \sum_{j,k \in \Omega_0} B_{ijk} (F) x_j(t) x_k(t) + \sum_{j \in \Omega_0} M_{ij} \alpha_j x_j(t) \quad (1)$$

$$\sum_{i \in \Omega_0} x_i(t) = 1, 0 \leq x_i(t) \leq 1, \sum_{i \in \Omega_0} C_{ijk} = 0, \sum_{i \in \Omega_0} B_{ijk}(t) = 0, \sum_{i \in \Omega_0} M_{ij} = 0,$$

このエリートの少なくとも1つの変異体、及び、エリートから最もハミング距離が遠い遺伝子（以下、反対種と呼ぶ）の少なくとも1つの変異体を作る（ステップS142）。

【0093】エリート及びその変異体は、ハミング距離が小さい部分の遺伝子の頻度分布を補うことができ、反対種及びその変異体は、ハミング距離が大きい部分の遺伝子の頻度分布を補うことができる。これにより、初期世代の遺伝子群の頻度分布が、全ての取りうる遺伝子の分布形状から大きく外れることを補正し、相似形の分布形状に近づけることができる。

【0094】次いで、これら変異体の適合度及びハミング距離を求め（ステップS144）、初期世代及び変異体について、ハミング距離—適合度平面上的頻度分布を求める（ステップS146）。これ以後の処理は、図4のステップS160以下の処理と同様である。

【0095】図9は、本発明に係る遺伝的アルゴリズムの最適化方法の第5実施形態を示すフローチャート図である。図9のフローチャートにおいて、初期世代の遺伝子集団について、ハミング距離—適合度平面上的頻度分布を求め、ハミング距離に応じて分割した遺伝子のグループ毎に存在確率を示す連立微分方程式または連立差分方程式を立て、この連立方程式を解いて遺伝的アルゴリズムの挙動を予測し、この予測に基づいて遺伝的アルゴリズムのパラメータを最適化する手順が説明されている。なお、図4に示した最適化方法の第1実施形態と同じステップには、同じステップ番号を付与して、重複する説明は省略する。

【0096】また、上記グループ毎の存在確率は、遺伝子群の世代交代に着目すれば、時間軸上の連続関数ではなく離散値としての世代数の関数とも考えられ、この存在確率の変化は、差分方程式で表現されるが、以下簡単のために、微分方程式と呼ぶことにする。

【0097】図9において、ステップS110からステップS150までは、図4の第1実施形態と同様である。次いで、ハミング距離を複数の区間に分割し、この区間に応じて遺伝子をグループ化する（ステップS162）。

【0098】次いで、各グループ毎の遺伝子群の存在確率を、式（1）に示すような連立微分方程式により表現する（ステップS164）。

【0099】

【数1】

式(1)において、 $x_i(t)$ は、グループ*i*の遺伝子の時刻*t*における存在確率である。 αC 、 αM は、それぞれ交叉率、突然変異率である。 $C_{i,jk}$ 、 $B_{i,jk}$ 、 $M_{i,j}$ は、それぞれグループ*i*とグループ*k*とが交叉したとき、グループ*i*が増加する割合、グループ*j*がグループ*k*に複製されたとき、グループ*i*が増加する確率である。なお、 $C_{i,jk}$ は、遺伝子長と遺伝子集団サイズとのいずれか一方または双方に依存することを仮定している。

【0100】次いで、この頻度分布である初期縮退構造を初期条件として、式(1)で示される連立微分方程式を解き、各遺伝子のグループ毎の時間経過に対する存在確率の変化を得て、遺伝的アルゴリズムの挙動を予測する(ステップS166)。

【0101】このグループ分割法には、遺伝子をハミング距離に応じて4群に分割する方法がある。即ち、A群は最も適合度の高い最適種であり、B群はハミング距離1から L_c (例えば、 $L_c = L/8$)までの群、C群は残り全ての種とし、B群をB1群とB2群とに分ける。B1群は、B群の適合度方向の頻度分布において、その頻度のピーク値fB2とすると、適合度の値がfB2から1.0を有するいずれか1つの種とし、その他の種をB2群とする。

【0102】この各グループ毎の存在確率の時間変化は、遺伝的アルゴリズムの挙動を示し、連立微分方程式を解く時間が、遺伝的アルゴリズムを実行する時間に比べて十分短ければ、遺伝的アルゴリズムのパラメータを遺伝的アルゴリズムを実行することなく試行錯誤的に求めることができる。

【0103】発明者の研究によると、物理的な評価過程を含まない場合、遺伝的アルゴリズムの実行時間とこの巨視的な振舞いを示す連立微分方程式を解くための演算時間とは、同一世代数で比較すると、後者は前者の数十分の一以下のCPUタイム(使用計算機:CRY YM P-1)で完了することが判明した(文献2:内藤健、Genetic Algorithmの巨視的方程式、Proceedings of 4th Workshop on Complex System, Kyoto, 1995)。

【0104】こうして、初期縮退構造を初期条件として、種々のパラメータを用いて式(1)を解くことにより、遺伝的アルゴリズムの最適なパラメータの値が求まる(ステップS168)。次いで、この最適値を用いて、ステップS170以下の遺伝的アルゴリズム実行に移る。

【0105】次に、本第5実施形態の変形として、グループ*j*とグループ*k*とが交叉したとき、グループ*i*が増加する割合である $C_{i,jk}$ を、遺伝子長または集団サイズに依存しないとしてもよい。

【0106】また、本第5実施形態の変形として、遺伝

子群を分割するグループ数を増し、この増加したグループ数に応じて変数を増やし、連立微分方程式を増やせば、遺伝的アルゴリズムの挙動に対する予測精度は向上する。しかし、遺伝子長*L*の3倍以上の多変数系は、連立微分方程式を解くための時間が遺伝的アルゴリズムを実行する時間に比べて小さいとは言えなくなり、変数の数は、遺伝子長の3倍を限度とする。

【0107】次に、第6実施形態として、第*n*(*n*は自然数)世代の遺伝子集団サイズを第*n+1*世代以降の遺伝子集団サイズより大きくした例を説明する。ある世代の遺伝子群からハミング距離-適合度平面上の頻度分布を求めて、この頻度分布が示す縮退構造から遺伝的アルゴリズムの挙動を推測する場合、ある程度遺伝子集団サイズが大きい方が、正確な頻度分布が求まる。このため、頻度分布を求める対象の世代の遺伝子集団サイズを例えば、2*N*、3*N*として、この世代以降の集団サイズ*N*より大きくする。その他の処理は、他の実施形態と同様である。これにより、より一層正確な遺伝的アルゴリズムの挙動予測を行うことができる。なお、頻度分布を求める世代は、遺伝子の発生方法にもよるが、初期世代が一般に好ましい。

【0108】次に、図10を参照して、ガソリンエンジンの燃料噴射の最適化に本発明を適用した例を説明する。図10の遺伝的アルゴリズムの最適化装置11は、図1の遺伝的アルゴリズムの最適化装置1の可変翼装置121の代わりに、エンジン試験装置51を接続して、排気ガス中の汚染物質を最小化する燃料噴射条件を求めるものである。

【0109】エンジン試験装置51は、エンジン制御CPU53と、エアフローメータ55と、エアクリーナ57と、フューエルポンプ59と、速度計61と、スロットルセンサ63と、インジェクタ65と、点火プラグ67と、イグニッションコイル69と、水温センサ71と、ノックセンサ73と、O₂センサ75と、エンジン回転数検出機能を備えたディストリビュータ77と、排気ガス測定装置79と、マフラー81と、3元触媒コンバータ83と、を含んで構成されている。

【0110】エンジン制御CPU53には、エアフローメータ55から吸入空気量信号、スロットルセンサ63からスロットル開度信号、水温センサ71から冷却水温度信号、ノックセンサ73からノッキング検知信号、O₂センサ75から排気中の酸素濃度信号、ディストリビュータ77からエンジン回転数がそれぞれ検知信号として送られる。また、エンジン制御CPU53は、燃料噴射信号を各気筒毎のインジェクタ65に、点火時期信号をイグニッションコイル69にそれぞれ出力する。

【0111】本実施の形態の最適化装置11は、排気ガス中の汚染物質を最小化する燃料噴射条件を求めるものであるため、適合度としては、排気ガス測定装置79によるCO、NOX等の排気ガス濃度または排気ガス量

と、O₂センサ75から得られる酸素濃度と、ディストリビュータ77から得られるエンジン回転数とのいずれかまたはこれらの任意の組合せである。排気ガス測定装置79の測定値、O₂センサ75の測定値、及びディストリビュータ77から得られるエンジン回転数は、それぞれ入力装置13を介して遺伝子分布計算装置5及び遺伝的アルゴリズム実行装置9に取り込まれる。

【0112】最適化対象である燃料噴射量、燃料噴射時期、点火時期は、例えば、それぞれ従来の標準燃料噴射制御マップから、1%刻みで-8%～+7%の範囲で変化させるように16段階の調整を行う。このため、燃料噴射量、燃料噴射時期、点火時期の各制御量それぞれに、4ビットづつ遺伝子座を割当て、合計12ビットの遺伝子とする。

【0113】遺伝的アルゴリズム実行装置9から表現型ヘデコードのために出力される遺伝子は、出力装置15を介してエンジン制御CPU53に各制御量の変更を指示する。エンジン制御CPUは、従来の標準燃料噴射制御マップから、出力装置15で指示された制御量だけ、燃料噴射量、燃料噴射時期、点火時期をそれぞれ変化させる。そして、このエンジン回転状態で、排気ガス測定装置79と、O₂センサ75と、ディストリビュータ77とのいずれか、またはこれらの任意の組合せから得られるエンジン性能の評価値が適合度として入力装置13から取り込まれる。

【0114】この遺伝的アルゴリズムの最適化装置11によるパラメータの最適化の手順は、上記最適化方法のいずれの実施形態を利用してもよい。最適化された遺伝的アルゴリズムのパラメータを利用して、遺伝的アルゴリズムにより短時間に最適な燃料噴射制御マップが求められる。その後、このマップを書き込んだROMが市販車に搭載され、大気汚染低減に貢献することとなる。

【0115】以上好ましい実施形態を説明したが、これらは本発明を限定するものではない。例えば、実施形態では初期世代の遺伝子群についてハミング距離-適合度平面上の頻度分布を求めて遺伝的アルゴリズムの挙動を予測したが、第2世代以降の遺伝子群について、この頻度分布を求めてもよい。

【0116】また、実施形態では、遺伝子の表現型へのデコードに、可変翼装置やエンジン試験装置等の物理モデル、物理化学モデルを含む構成としたが、適用する問

題によっては、単に数値計算や論理演算等の演算処理のよって適合度を求めることができる場合にも適用可能であることは、明らかである。

【図面の簡単な説明】

【図1】本発明に係る遺伝的アルゴリズムの最適化装置の実施形態を示すブロック図である。

【図2】遺伝的アルゴリズムにおける遺伝子系統樹を示す図である。

【図3】ハミング距離-適合度平面上の全ての種の頻度分布を示す図である。

【図4】本発明に係る遺伝的アルゴリズムの最適化方法の第1の実施形態を示すフローチャートである。

【図5】本発明に係る遺伝的アルゴリズムの最適化方法の第2の実施形態を示すフローチャートである。

【図6】本発明に係る遺伝的アルゴリズムの最適化方法の第3の実施形態を示すフローチャートである。

【図7】ハミング距離が6の断面における遺伝子の頻度分布の例を示す図である。

【図8】本発明に係る遺伝的アルゴリズムの最適化方法の第4の実施形態を示すフローチャートである。

【図9】本発明に係る遺伝的アルゴリズムの最適化方法の第5の実施形態を示すフローチャートである。

【図10】本発明に係る遺伝的アルゴリズムの最適化方法をエンジン制御の最適化に適用する場合の装置構成を示すブロック図である。

【図11】従来の遺伝的アルゴリズムによる最適化装置の構成を示すブロック図である。

【図12】可変翼装置の構造を示す部分断面斜視図である。

【図13】従来の遺伝的アルゴリズムの例を示すフローチャートである。

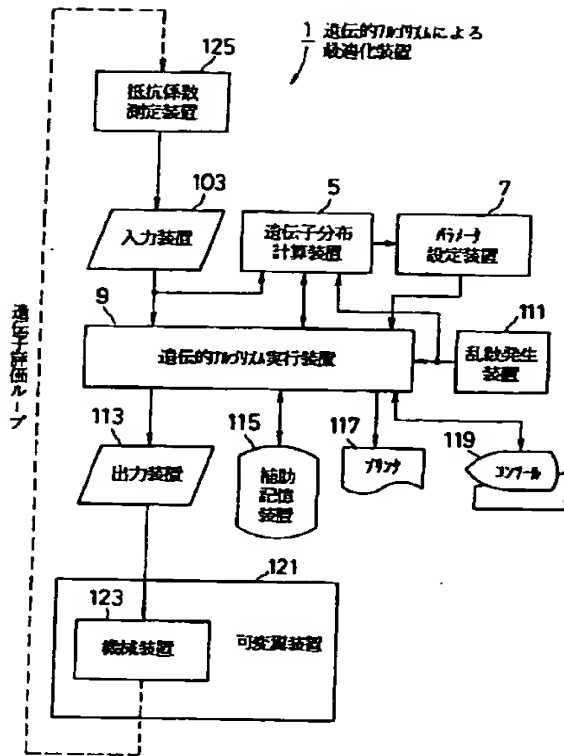
【図14】翼形状の遺伝子表現情報を説明する図である。

【図15】遺伝的アルゴリズムを説明する図である。

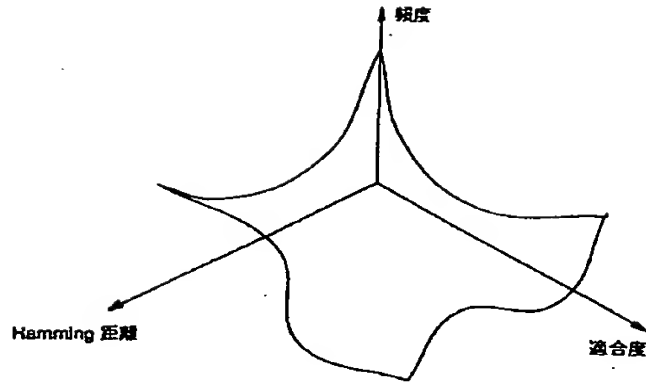
【符号の説明】

1…遺伝的アルゴリズムの最適化装置、5…遺伝子分布計算装置、7…パラメータ設定装置、9…遺伝的アルゴリズム実行装置、103…入力装置、111…乱数発生装置、113…出力装置、115…補助記憶装置、117…プリンタ、119…コンソール、121…可変翼装置、123…機械装置、125…抵抗係数測定装置。

【图 1】

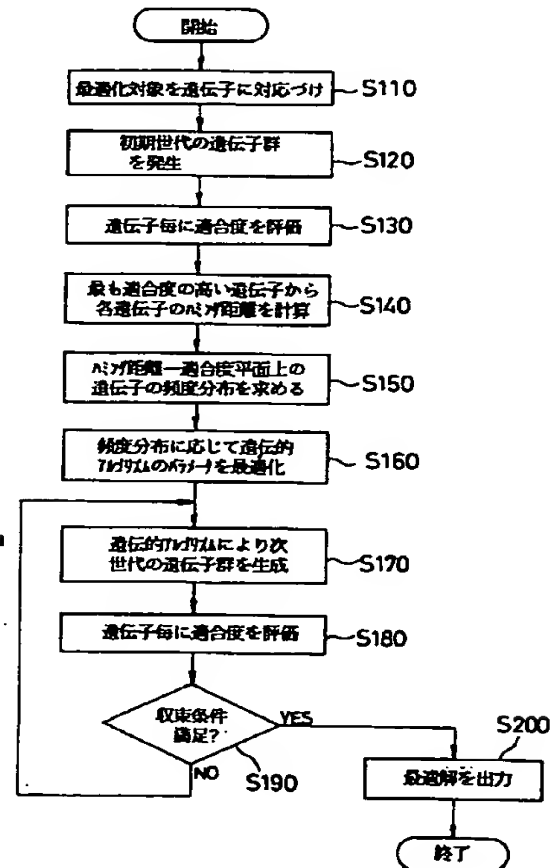


【図 3】

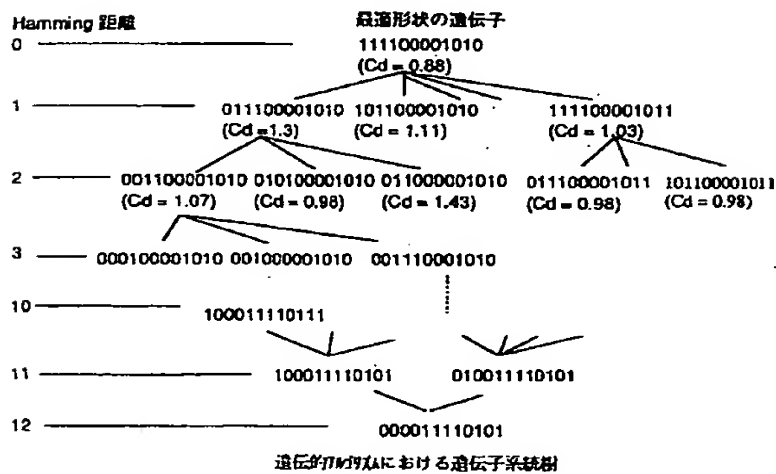


適合度・Hamming 距離平面上の全ての種の頻度分布

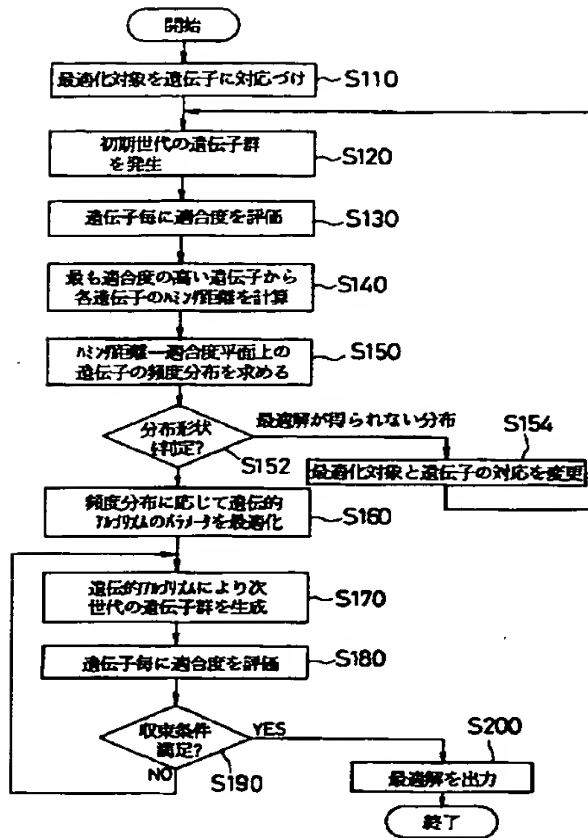
【圖4】



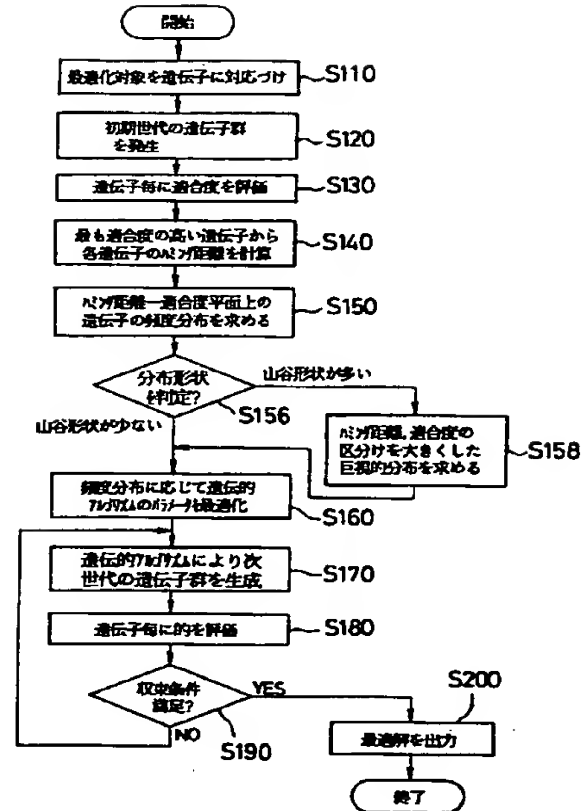
【图 2】



【図 5】

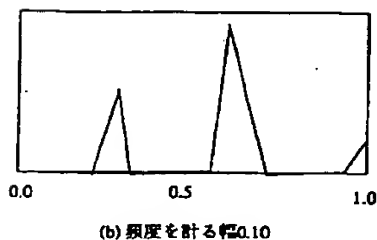
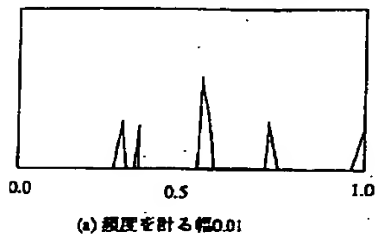


【図 6】

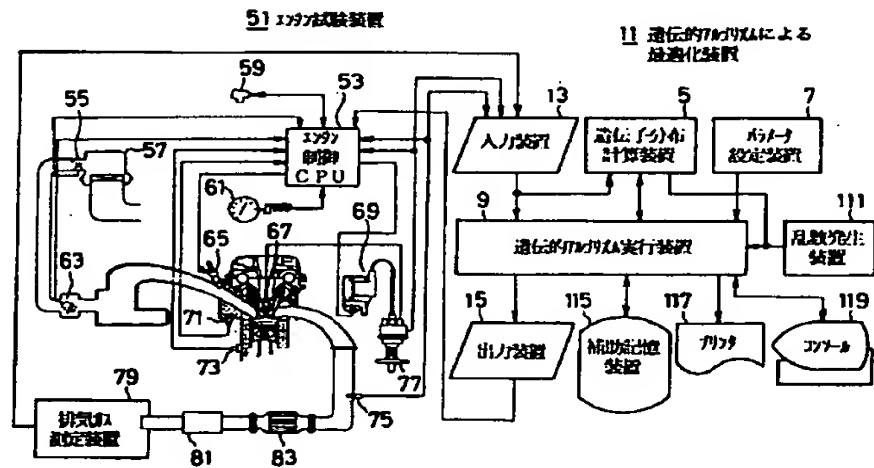


【図 7】

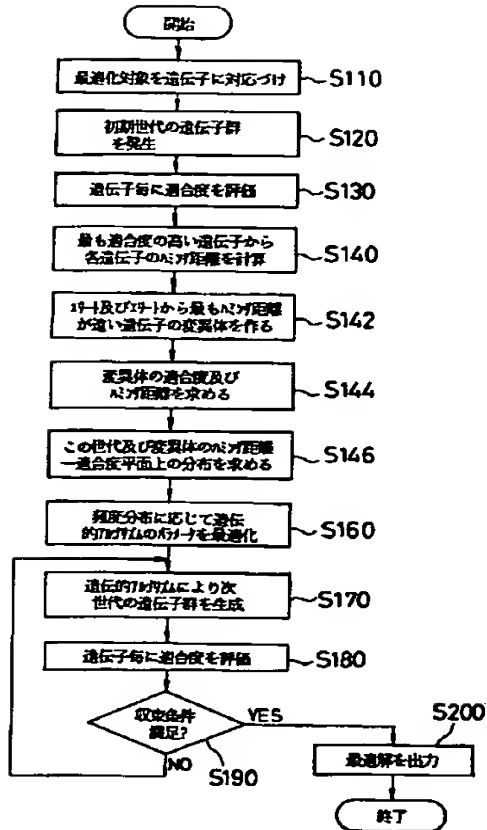
Hamming 距離が 5 の断面での頻度分布の例



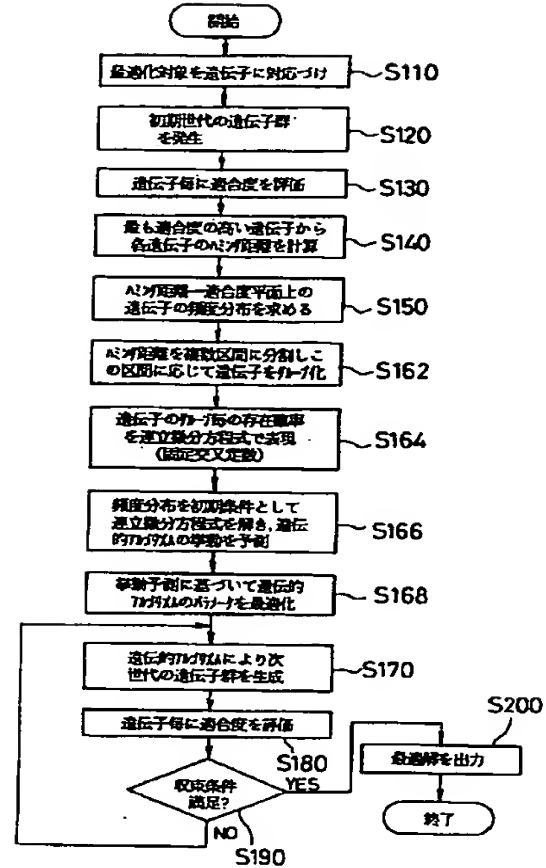
【図 10】



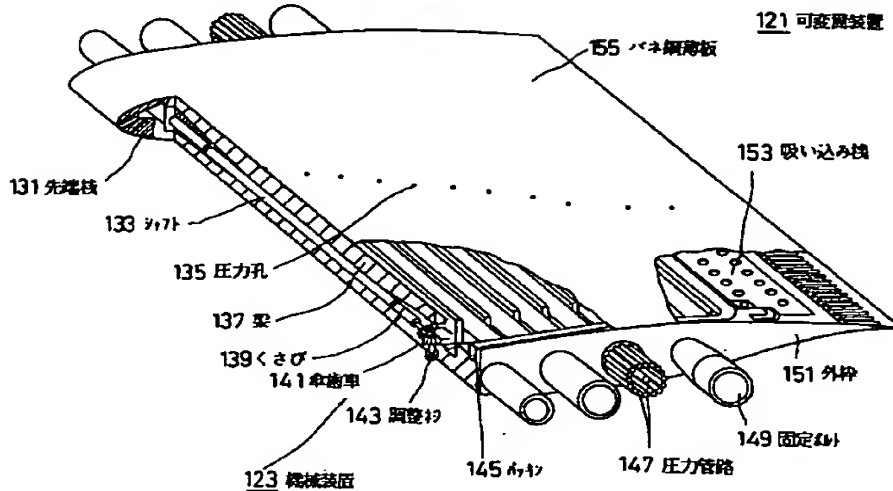
【図8】



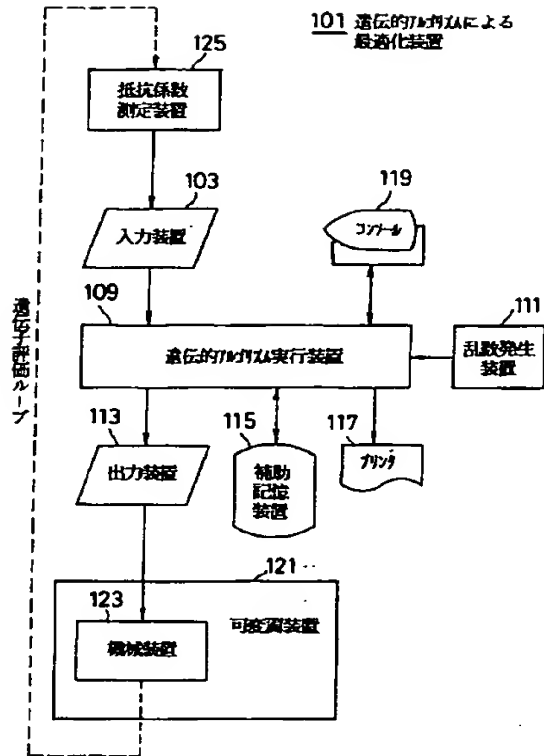
【図9】



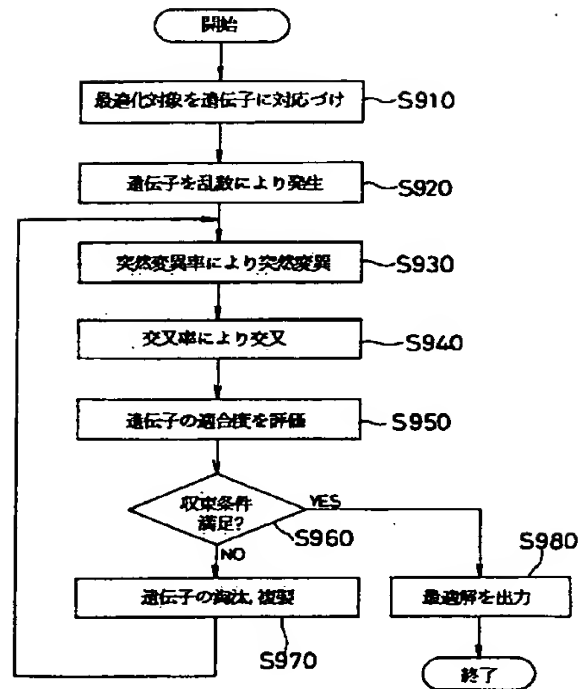
【図12】



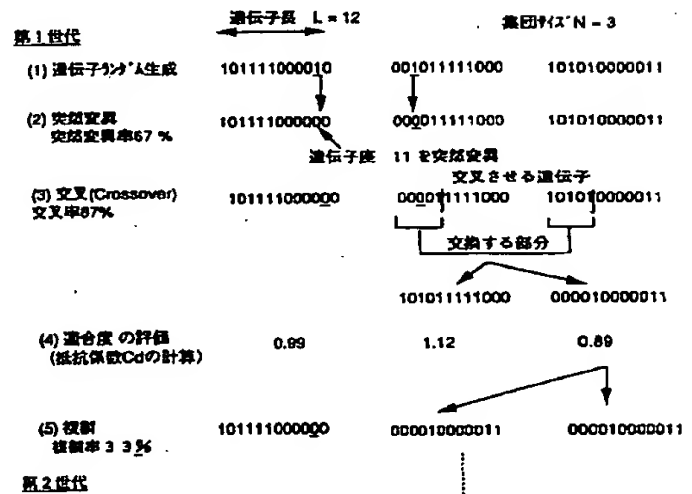
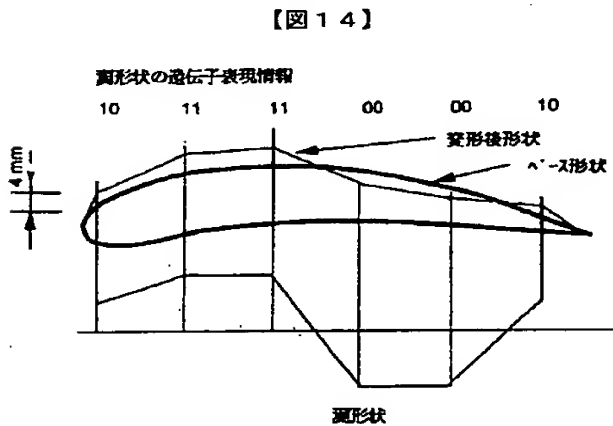
【図 11】



【図 13】



【図 15】



THIS PAGE BLANK (USPTO)